

CLUSTAL W (1.82) multiple sequence alignment

H.sapiensGADD34L	-----GDEDRKGPWEEFARDGCRFQKRIQETEADIGYCLTFFHRERMFNRLQGTCEFKGLNV 709
H.sapiensGADD34	WAGPAQAARQGPWQLARDRSRFARRITQAQEEELSPCLTPAARARAWARLRRNPPЛАIPA 629
	.: *:****: :*** . ** :** :*** : : . *** : * * : ** : . : .
H.sapiensGADD34L	LKOC----- 713
H.sapiensGADD34	LTQTLPPSSSVPSSSPVQTTPLSQAVATPSRSSAAAAALDLSSGRRG 674
	.